

molecular para identificar os genótipos do polimorfismo I/D da ECA I. Os dados sobre a gravidade clínica de cada paciente foram obtidos por meio de um questionário on line. As análises estatísticas foram realizadas utilizando o software GraphPad Prism e IBM SPSS Statistics 20, com nível de significância de 0,05. O teste de Mann Whitney foi utilizado para verificar a associação entre a gravidade da COVID-19 e os genótipos. **Resultados:** O grupo de estudo foi composto por 57 mulheres (63%) e 34 homens (37%), com idades entre 18 e 63 anos, com média de 24 anos. A análise dos genótipos mostrou que, entre as mulheres, os genótipos DD, ID e II foram observados em 11 (19%), 42 (74%) e 4 (7%) indivíduos, respectivamente. Com relação ao grupo dos homens foi observado: 6 com genótipo DD (18%), 22 genótipos ID (64%) e 6 genótipos II (18%). A análise de associação entre os polimorfismos e as diferentes formas de gravidade da doença demonstrou significância ( $p < 0,05$ ) pelo teste de Mann Whitney. **Discussão:** No Brasil o genótipo mais frequente é o ID, seguido por DD e, o menos frequente, II. Entretanto, a região Sul apresenta uma prevalência diferente, com o genótipo DD como o mais frequente, seguido pelo ID e DD. Isso também foi observado nesses resultados com uma amostra da população pertencente à região sudeste, o genótipo mais frequente foi ID. Diversos países têm observado associações entre os genótipos e a gravidade da COVID-19. O alelo D de deleção está relacionado ao desenvolvimento de formas mais graves, sendo que em populações do norte do Chipre, do Irã e na população asiática com dados de 28 países da Ásia, o genótipo DD está relacionado à maior gravidade e mortalidade. Neste estudo, predominaram genótipos ID entre os indivíduos com casos leves da doença, sugerindo um possível efeito protetor contra formas mais graves da COVID-19. **Conclusão:** Concluímos que na população analisada foi encontrado a maior frequência do genótipo ID em ambos sexos. Além disso, há associação estatisticamente significativa entre os polimorfismos I/D da ECA I e as diferentes gravidades da COVID-19.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2023.09.233>

## HEMOTERAPIA

### COVID-19 - HEMATOLOGIA GERAL

#### ANÁLISE DA RESPOSTA IMUNE DE CÉLULAS CITOTÓXICAS DE INDIVÍDUOS SAUDÁVEIS APÓS ESTIMULAÇÃO IN VITRO PELO PLASMA DE PACIENTES INFECTADOS PELO SARS-COV-2

LF Ananias, ACCH Cunha, ACDM Carneiro,  
BS Matos, LQ Pereira, MV Silva, VR Júnior,  
HM Souza, SCSV Tanaka, FB Vito

Universidade Federal do Triângulo Mineiro (UFTM),  
Uberaba, MG, Brasil

**Introdução/Objetivo:** Os linfócitos citotóxicos desempenham um papel muito importante na imunidade antiviral e a sua

desregulação na COVID-19 resulta não só na falha em eliminar células infectadas, mas também impacta na interação com outras células do sistema imune. Dessa forma, alterações em proteínas citolíticas, como a perforina e a granzima B poderiam interferir na resposta contra o vírus SARS-CoV-2. Este estudo teve como objetivo avaliar o impacto da exposição de linfócitos citotóxicos a amostras infectadas pelo vírus SARS-CoV-2 na produção de proteínas citolíticas, visto o potencial imunomodulatório desse vírus frente ao sistema imune do hospedeiro. **Materiais e métodos:** Foram coletadas amostras de sangue periférico de 6 indivíduos saudáveis, sendo 3 homens e 3 mulheres, com idades pareadas (média = 35 anos  $\pm$  6), das quais foram separadas as células mononucleares do sangue periférico que foram incubadas em um pool de plasma de pacientes com COVID-19 que foram a óbito e em um pool de plasma de indivíduos saudáveis. Estas células foram mantidas em cultura por 72 horas em meio RPMI suplementado com 10% de soro fetal bovino em incubadora de CO<sub>2</sub> a 37°C. Todos os tratamentos foram realizados em triplicatas. Foram analisadas a expressão da perforina em suas formas ativada e inativa e da granzima B, tanto em linfócitos T CD8+ quanto em células Natural Killer (NK), por citometria de fluxo. Linfócitos T CD8 foram identificados como CD3+CD8+ e células NK como CD3-CD56+. Foram registrados 50.000 eventos em citômetro de fluxo FACSCanto II, com análise no software Diva 6.0 (Becton Dickinson). Os dados foram analisados por meio do teste Wilcoxon, considerando significância de  $p < 0,05$ . **Resultados:** Observou-se uma diminuição significativa tanto na quantidade de perforina ativa (medianas: 52,75 versus 50,75;  $p = 0,007$ ) quanto na de perforina inativa (medianas: 69,63 versus 66,33;  $p = 0,04$ ) em células TCD8+ incubadas com plasma de pacientes com COVID-19. O mesmo não foi observado em células NK, apesar de ser notada uma diminuição na quantidade destas proteínas, sendo as medianas 65,08 versus 62,00 ( $p = 0,29$ ) e 72,08 versus 64,85 ( $p = 0,59$ ), para perforina ativada e inativa, respectivamente. Quanto à granzima B, também não foram observadas diferenças estatisticamente significativas, apesar de haver uma diminuição das medianas, sendo 52,43 versus 49,28 ( $p = 0,11$ ) e 60,98 versus 55,03 ( $p = 0,32$ ), nas células TCD8+ e células NK, respectivamente. **Discussão:** Os achados do presente estudo indicam que componentes presentes no plasma de pacientes infectados podem contribuir com uma menor produção de proteínas citolíticas, como foi observado, principalmente, nas células TCD8+. Isso pode ser consequência de um mecanismo de escape imune do vírus, visto o estímulo a uma menor reatividade das células imunes frente à infecção. Porém, novos estudos são necessários para elucidar a natureza e a composição desses componentes. **Conclusão:** Portanto, houve uma diminuição da quantidade das formas ativas e inativas da perforina nas células TCD8+ frente à exposição ao plasma de pacientes com COVID-19, indicando potenciais componentes desses indivíduos infectados que possam contribuir com uma supressão da resposta imune.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2023.09.234>